FASTA searches a protein or DNA sequence data bank
version 3.3t05 March 30, 2000
Please cite:
W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85:2444-2448

/tmp/fastaCAAygaWej: 995 aa
>SEQ ID NO:2
vs /tmp/fastaDAAzgaWej library
searching /tmp/fastaDAAzgaWej library

    1008 residues in   1 sequences

FASTA (3.34 January 2000) function [optimized, BL50 matrix (15:-5)] ktup: 2
 join: 39, opt: 27, gap-pen: -12/ -2, width: 16
 Scan time: 0.034
The best scores are: opt
M13699 ACCESSION:M13699 NID: gi 180255 gb M13699. (1008) 2671

>>M13699 ACCESSION:M13699 NID: gi 180255 gb M13699.1 HUM (1008 aa)
 initn: 1414 init1: 972 opt: 2671
Smith-Waterman score: 3980; 57.002% identity in 1014 aa overlap (1-992:1-1008)

              10   20   30   40   50
SEQ   MKILILGIFLFLCSSPGWAIDRHCYIGIEESIWNYAPSGKNMLNEKPFSEDLE----FLQ
       ::::::::::::::::.:.:: ..: :::: :. :.:: .. ..: .: : :   .::
M13699 MKILILGIFLFLCSTPAWAKEKHYYIGIIETTWDYA---SDHGEKKLISVDTEHSNIYLQ
              10   20   30   40   50

              60   70   80   90   100   110
SEQ   GGQARKSFVFKKALYFQYTDNTFQRIIEKPSWLGFLGPMIKAETGDFIYVHVKNNASRAY
       .: : . ..::::::.:. :::: :::::::::::: .::.:::: .:::.:: ::: :
M13699 NGPDRIGRLYKKALYLQYTDETFRTTIEKPVWLGFLGPIIKAETGDKVYVHLKNLASRPY
              60   70   80   90   100   110

             120   130   140   150   160   170
SEQ   SYHPHGLTYSKENEAHGAIYPDNTTGLQKEVEYLEPGKQYTYKWYVEEHQGPGPNDSNCV
       ..: ::.:: ::.: :::::::::: .:. . . ::.:::: . :.:.:: ..:.:::
M13699 TFHSHGITYYKEHE--GAIYPDNTTDFQRADDKVYPGEQYTYMLLATEEQSPGEGDGNCV
             120   130   140   150   160   170

             180   190   200   210   220   230
SEQ   TRIYHSHIDTARDVASGLIGPILTCKRGTLNGDTEKDIDRSSFLMFSTTDESRSWYSDEN
       :::::::::. .:.::::::::..:: ..:. :: ::: .::::.:: ::: ..:
M13699 TRIYHSHIDAPKDIASGLIGPLIICKKDSLDKEKEKHIDREFVVMFSVVDENFSWYLEDN
             180   190   200   210   220   230

             240   250   260   270   280   290
SEQ   IRAF-TESGKINTSDPRFEESMSMQSINGYIYGNLPNLTMCAEDRVQWYFVGMGGVADIH
       :.... .: :.. .. :.:: : :.::: .:.::.:.:::::::::.::.:::::.. .:.:
M13699 IKTYCSEPEKVDKDNEDFQESNRMYSVNGYTFGSLPGLSMCAEDRVKWYLFGMGNEVDVH
             240   250   260   270   280   290

             300   310   320   330   340   350
SEQ   PVYLRGQTLISRNHRKDTIMLFPSSLEDAFMVAKAPGVWMLGCQ----IHESMQAFFKVS
       ...:.::.: ..:.: ::: :::::..: ::.:::. :: :::::: .. ..:::::.:.
M13699 AAFFHGQALTNKNYRIDTINLFPATLFDAYMVAQNPGEWMLSCQNLNHLKAGLQAFFQVQ
             300   310   320   330   340   350

```
                360        370        380        390        400        410
SEQ     NCQKPSTEAFVTGTHVIHYYIAAKEILWNYAPSGIDFFTKKNLTAAGSKSQLFFERSPTR
        .:.: :..    . : ::  :::::::..:::.::::::::::::.::.::::: :: : .:::.. ::
M13699  ECNKSSSKDNIRGKHVRHYYIAAEEIIWNYAPSGIDIFTKENLTAPGSDSAVFFEQGTTR
                360        370        380        390        400        410


                420        430        440        450        460
SEQ     IGGTYKKLIYREYTDASFQTQKAR---EEHLGILGPVFKAEVGQTIKITFYNNASLPLSI
        :::.:.:::.::::::::: ...: :    :::::::::.: :::::.:::...:: : ::::
M13699  IGGSYKKLVYREYTDASFTNRKERGPEEEHLGILGPVIWAEVGDTIRVTFHNKGAYPLSI
                420        430        440        450        460        470


            470        480        490        500        510        520
SEQ     QPPGLHYNKSNEGLFYE---TPGG-STPPPSSHVSPGTTFVYTWEVPKDVGPTSTDPNCL
        .: :...:.::: .:     .: . :.:: .::::.:  ::.:  : : :::.::::..:: ::
M13699  EPIGVRFNKNNEGTYYSPNYNPQSRSVPPSASHVAPTETFTYEWTVPKEVGPTNADPVCL
            480        490        500        510        520        530


            530        540        550        560        570        580
SEQ     TWFYYSSVNGKKDINSGLLGPLLICRNGSLGDDGKQKGVDKEFYLLATIFDENESNLLDE
        . .::::. ::: .::.:::. ::..::: .:.:: :::::::::.:.::::: :.
M13699  AKMYYSAVDPTKDIFTGLIGPMKICKKGSLHANGRQKDVDKEFYLFPTVFDENESLLLED
            540        550        560        570        580        590


            590        600        610        620        630        640
SEQ     N-RTFITEPENIDKEDTDCQASNKMYSINGYMYGNLPGLDTCLGDNVLWHVFSVGSVEDL
        : :.::: :  .::.:: : :  ::::.:.::.:::: ::::  : ::.:.:...::.:.  ..
M13699  NIRMFTTAPDQVDKEDEDFQESNKMHSMNGFMYGNQPGLTMCKGDSVVWYLFSAGNEADV
            600        610        620        630        640        650


            650        660        670        680        690        700
SEQ     HGIYFSGNTFTSLGARRDTIPMFPYTSQTLLMTPDSIGTFDLVCMTIKHNLGGMKHKYHV
        ::::::::::.   : :::::  .:: :: :: : ::. :::..  :.: :  ::::.:: :
M13699  HGIYFSGNTYLWRGERRDTANLFPQTSLTLHMWPDTEGTFNVECLTTDHYTGGMKQKYTV
            660        670        680        690        700        710


            710        720        730        740        750        760
SEQ     RQCGKPNPDQTQYQEEKIIITIAAEEMEWDYSPSRKWENELHHLRRENQTSMYVDRSGTL
        ::  . .:.: :. ..        ::: :.:::::.::.:.::::::::...: .. .::.:
M13699  NQCRRQSEDSTFYLGERTYY-IAAVEVEWDYSPQREWEKELHHLQEQNVSNAFLDKGEFY
            720        730        740        750        760        770


            770        780        790        800        810        820
SEQ     LGSKYKKVLYRQYDDNTFTNQTKRNEGEKHLDILGPLILLNPGQIIQIIFKNKAARPYSI
        .:::::::.:::: :.::    ..:.  :.:: ::::   . . :. ..:::::: :.::::::
M13699  IGSKYKKVVYRQYTDSTFRVPVERKAEEEHLGILGPQLHADVGDKVKIIFKNMATRPYSI
            780        790        800        810        820        830


            830        840        850        860        870        880
SEQ     HAHGVKTNNSTVVPTQPGEIQIYTWQIPDRTGPTSLDFECIPWFYYSTVSVAKDLHSGLV
        :::::.:::.:::: :::   :.:.:.:.: .: . :  :::: ::::: .:::.::::.:.
M13699  HAHGVQTESSTVTPTLPGETLTYVWKIPERSGAGTEDSACIPWAYYSTVDQVKDLYSGLI
            840        850        860        870        880        890
```

```
         890            900         910         920         930
SEQ     GPLSVCR----KDINPN-IVHRVLHFMIFDENESWYFEDSINTYASKPNKVDKENDNFQL
        ::: :::    :  .::      ..  .: :..::::::::..:.:.::...:.::.:....:
M13699  GPLIVCRRPYLKVFNPRRKLEFALLFLVFDENESWYLDDNIKTYSDHPEKVNKDDEEFIE
         900           910         920         930         940         950


         940         950         960         970         980         990
SEQ     SNQMHAINGRLFGNNQGITFHVGDVVNWYLIGIGNEADLHTVHFHGHSFEYKHKYLI
        ::.::::::::.::: :::.:.:::: :::::.:..:: :::::::::::::.:::.
M13699  SNKMHAINGRMFGNLQGLTMHVGDEVNWYLMGMGNEIDLHTVHFHGHSFQYKHR
         960         970         980         990         1000



995 residues in 1 query    sequences
1008 residues in 1 library sequences
 Scomplib [version 3.3t05 March 30, 2000]
 start: Wed Sep 18 11:18:07 2002 done: Wed Sep 18 11:18:08 2002
 Scan time:  0.034 Display time:  1.433

Function used was FASTA
```